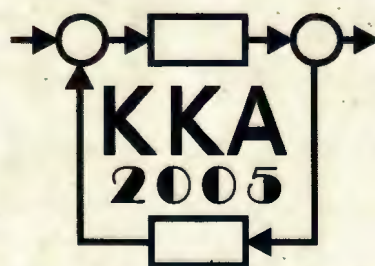


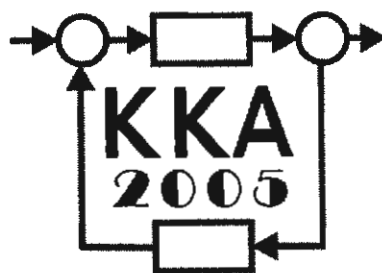
XV Krajowa Konferencja Automatyki

Tom III



**Redaktorzy:
Zdzisław Bubnicki
Roman Kulikowski
Janusz Kacprzyk**

XV Krajowa Konferencja Automatyki Tom III



Redaktorzy:
Zdzisław BUBNICKI
Roman KULIKOWSKI
Janusz KACPRZYK

ORGANIZATOR

Komitet Automatyki i Robotyki Polskiej Akademii Nauk
Instytut Badań Systemowych Polskiej Akademii Nauk

WSPÓLORGANIZATORZY

Politechnika Warszawska

Przemysłowy Instytut Automatyki i Pomiarów

Polskie Stowarzyszenie Pomiarów, Automatyki i Robotyki

ORGANIZATOR

Komitet Automatyki i Robotyki Polskiej Akademii Nauk
Instytut Badań Systemowych Polskiej Akademii Nauk

WSPÓLORGANIZATORZY

Politechnika Warszawska
Przemysłowy Instytut Automatyki i Pomiarów
Polskie Stowarzyszenie Pomiarów, Automatyki i Robotyki

KOMITET PROGRAMOWY

Przewodniczący	Zdzisław BUBNICKI
Zastępca Przewodniczącego	Roman KULIKOWSKI

CZŁONKOWIE

Stanisław BAŃKA	Michał BIAŁKO
Mikołaj BUSŁOWICZ	Władysław FINDEISEN
Ryszard GESSING	Henryk GÓRECKI
Jakub GUTENBAUM	Jerzy JÓZEFczyk
Stanisław KACZANOWSKI	Tadeusz KACZOREK
Janusz KACPRZYK	Jerzy KLAMKA
Józef KORBICZ	Zbigniew KOWALSKI
Krzysztof KOZŁOWSKI	Juliusz L. KULIKOWSKI
Krzysztof KUŹMIŃSKI	Kazimierz MALANOWSKI
Krzysztof MALINOWSKI	Wojciech MITKOWSKI
Antoni NIEDERLIŃSKI	Władysław PEŁCZEWSKI
Tadeusz PUCHAŁKA	Leszek RUTKOWSKI
Stanisław SKOCZOWSKI	Roman SŁOWIŃSKI
Jerzy ŚWIĄTEK	Andrzej ŚWIERNIAK
Ryszard TADEUSIEWICZ	Piotr TATJEWski
Krzysztof TCHOŃ	Leszek TRYBUS
Jan WĘGLARZ	Andrzej P. WIERZBICKI

KOMITET ORGANIZACYJNY

Przewodniczący	Roman KULIKOWSKI
Zastępcy Przewodniczącego	Janusz KACPRZYK
	Stanisław KACZANOWSKI
	Tadeusz KACZOREK
	Krzysztof MALINOWSKI
Członkowie	Roman OSTROWSKI
	Tadeusz PUCHAŁKA
	Dariusz WAGNER
Sekretarze naukowci	Jan STUDZIŃSKI
	Jan W. OWSIŃSKI

ISBN 83-89475-02-2

Copyright © Instytut Badań Systemowych Polskiej Akademii Nauk
All rights reserved

Druk: ARGRAF, Warszawa

SZTUCZNA INTELIGENCJA

GENETYCZNA OPTYMALIZACJA STRUKTURY MODELU TSK NA PRZYKŁADZIE SIŁOWNIKA PNEUMATYCZNEGO

Paweł WNUK*

* Politechnika Warszawska, Wydział Mechatroniki
ul. Św. Boboli 8, 02-525 Warszawa, e-mail: p.wnuk@mechtr.pw.edu.pl

Streszczenie: W niniejszym artykule przedstawiono sposób genetycznego doboru zarówno struktury, jak i parametrów modelu rozmytego TSK. Zaproponowano modyfikację postaci funkcji następnika oraz przedstawiono pełen algorytm identyfikacji takiego modelu. Jako przykład przedstawiono wyniki identyfikacji modelu siłownika pneumatycznego.

Słowa kluczowe: Model rozmyty, model TSK, identyfikacja, algorytmy ewolucyjne, siłownik pneumatyczny.

1. WSTĘP

Modele rozmyte stanowią coraz częściej wykorzystywany mechanizm do aproksymacji nieliniowych obiektów [2,4]. Prowadzone są badania zarówno odnośnie modelowania statyki, jak i właściwości dynamicznych. W dziedzinie aproksymacji modeli dynamicznych ciekawą propozycją wydaje się być model o strukturze *Takagi-Sugeno-Kanga* (TSK). Model taki składa się ze zbioru reguł o rozmytej przesłance oraz nierozmytej funkcji konkluzji. Zazwyczaj funkcja konkluzji przyjmuje postać liniowej kombinacji zmiennych wejściowych. Podczas analizy modelu TSK można stwierdzić, że rozmyte przesłanki dzielą przestrzeń wejściową na obszary, w których zachowanie się modelu jest opisywane poprzez odpowiednią funkcję konkluzji. W przypadku liniowych funkcji konkluzji można powiedzieć, że model TSK składa się z modeli liniowych, pomiędzy którymi następuje przełączanie na drodze rozmytej.

Identyfikacja modelu TSK zazwyczaj składa się z dwóch kroków. Najpierw określana jest struktura modelu, tzn. określana jest liczba funkcji przynależności dla poszczególnych wejść oraz wartości parametrów je opisujących. Podział ten wykonywany jest poprzez eksperta w oparciu o analizę modelowanego obiektu, lub też wykonywany jest on w sposób automatyczny przy wykorzystaniu któregoś z algorytmów należących do klasy algorytmów grupowania rozmytego [2]. Oddzielnym problemem jest określenie liczby przedziałów rozmywania (funkcji przynależności) dla każdej zmiennej rozmywanej. W drugim kroku obliczane są wartości poszczególnych współczynników równań konkluzji wszystkich reguł, najczęściej przy wykorzystaniu regresji liniowej (algorytm LS i jego modyfikacje, [4]).

Taka forma identyfikacji modelu TSK ma wiele niedogodności. Identyfikacja struktury modelu ogranicza się do identyfikacji sposobu rozmywania poszczególnych zmiennych wejściowych, natomiast nie jest w ten sposób określona postać funkcji konkluzji. Zazwyczaj zakłada się, że postać funkcji następnika (rząd i opóźnienia równania różnicowego) jest ustalony przez osobę przeprowadzającą identyfikację oraz jednako dla wszystkich reguł wchodzących w skład modelu. Do określenia liczby funkcji przynależności wykorzystuje się inne algorytmy niż do określenia wartości parametrów tych funkcji, co sprawia, że algorytm identyfikacyjny jest niespójny.

W niniejszej pracy zaprezentowano inne podejście do identyfikacji modelu TSK. Przy pomocy jednego algorytmu dobierane są zarówno praktycznie wszystkie parametry struktury modelu (liczba funkcji przynależności dla poszczególnych zmiennych rozmywanych, rząd i opóźnienia wielomianu różnicowego będącego funkcją następnika dla poszczególnych reguł) jak i parametry liczbowe (położenie i rozpiętość poszczególnych funkcji przynależności). Takie podejście pozwala na uproszczenie i zautomatyzowanie procesu identyfikacji modelu, co jest główną zaletą proponowanej metody.

2. MODEL TSK

Model TSK zalicza się do ogólnej grupy modeli rozmytych. Schemat przetwarzania takich modeli można w uproszczeniu opisać następująco: pomierzone wartości wejściowe są poddawane procesowi rozmywania. Następnie przeprowadzane jest wnioskowanie rozmyte w oparciu o zestaw reguł wchodzących w skład modelu. Na koniec następuje proces wyostrzania i wyliczenie konkretnej, ostrej wartości wyjścia modelu. Charakterystyką modelu TSK jest to, że w konkluzji każdej reguły występuje w miejsce zbioru rozmytego analityczna funkcja zmiennych wejściowych. Tak więc każda reguła modelu TSK przyjmuje następującą postać:

$$R_i: \text{if } [x_1 = A_i^1 \wedge \dots \wedge x_n = A_i^n] \text{ then } [y = f_i(u)] \quad (1)$$

gdzie: R_i to i -ta reguła wiedzy, x_j to j -te wejście rozmywane, A_i^j to j -ta partycja zapisana w i -tej regule mo-

delu, n liczba wejść rozmywanych, y wyjście modelu, f_i funkcja następnika (konkluzja) i -tej reguły, u to wektor parametrów funkcji następnika.

Model składa się z M reguł. Rozmyte przesłanki tych reguł dzielą przestrzeń wejściową na określoną liczbę rozmytych regionów, natomiast funkcje następnika opisują zachowanie się modelu w tych regionach [5]. Przesłanka jest zbudowana z jednego lub więcej stwierżeń rozmytych połączonych rozmytym operatorem koniunkcji. Zmienne x_1, x_2, \dots, x_n tworzą n -wymiarowy wektor wejść rozmywanych. Wypadkowa (dla całego modelu) wartość wyjścia jest obliczana jako ważona suma wyjść poszczególnych reguł, gdzie wagą jest wypadkowy stopień przynależności danej reguły $\mu_A^{(i)}$

$$\mu_A(x) = \prod_{j=1}^n \mu_A(x_j) \quad (2)$$

$$y = \sum_{i=1}^n \mu_A^{(i)} * f_i$$

Takie podejście upraszcza sposób obliczania wyjścia z modelu dzięki wyeliminowaniu procesu wyostrzania. Najczęściej wykorzystywaną postacią funkcji f_i jest wielomian I-go stopnia składowych wektora u

$$f_i(u) = a_0^{(i)} + a_1^{(i)} u_1 + \dots + a_m^{(i)} u_m \quad (4)$$

Często zakłada się że wektory u i x są tożsame. W niniejszej pracy są one różne. Wektor x definiuje punkt pracy modelu, natomiast wektor u zawiera informacje potrzebne do obliczenia jego dynamicznej odpowiedzi, innymi słowy zawiera opóźnione wartości sygnałów wejściowych. Jako funkcje przynależności mogą być stosowane różne funkcje, zarówno o ciągłej pierwszej pochodnej, jak i bardziej naturalne dla użytkownika funkcje trapezoidalne i ich pochodne. W niniejszej pracy stosowano następujące typy funkcji przynależności:

- funkcja trójkątna:

$$\mu(x) = \max\left(0, \min\left(\frac{x-a}{b-a}, \frac{c-x}{c-b}\right)\right) \quad (5)$$

- funkcja trapezoidalna

$$\mu(x) = \max\left(0, \min\left(1, \frac{x-a}{b-a}, \frac{d-x}{d-c}\right)\right) \quad (6)$$

- funkcja Gaussa

$$\mu_A(x) = \exp\left(-\frac{(x-c)^2}{2\delta^2}\right) \quad (7)$$

Wszystkie wymienione funkcje były normalizowane tak, aby suma wszystkich funkcji przynależności dla danego x zawsze wynosiła 1.

3. ALGORYTM IDENTYFIKACYJNY

Jako podstawowy algorytm identyfikacji zarówno struktury jak i tych parametrów, których nie można bezpo-

średnio wyliczyć za pomocą algorytmu LS wybrano algorytm genetyczny [1]. Natomiast wartości współczynników funkcji następnika są uzyskiwane przy pomocy regresji, bazując na algorytmie LS i rozszerzonej macierzy wejść do modelu [2]. Dzięki takiemu podejściu kosztowny obliczeniowo algorytm genetyczny jest wykorzystywany jedynie do liczenia współczynników, których nie da się uzyskać w inny sposób.

Klasyczne podejście do algorytmów genetycznych nie pozwala na zastosowanie genomu o zmiennej liczbie genów (czyli parametrów podlegających optymalizacji). Można to uzyskać jeśli zostaną zmodyfikowane operatory mutacji oraz krzyżowania do form pozwalających na pracę z genomami różnej długości – z punktu widzenia samego algorytmu genetycznego nie ma ograniczenia na postać i wewnętrzną strukturę genotypu [1].

3.1. Zapis modelu jako genomu dla algorytmu genetycznego

Genotyp musi zawierać informacje, na podstawie których możliwe jest odtworzenie modelu TSK. Umożliwi to obliczenie funkcji celu – minimalizowanej w każdej iteracji algorytmu. Przy czym informacja przechowywana przez genotyp nie może być nadmiarowa – genotyp zawiera jedynie parametry poddawane optymalizacji. W niniejszej pracy zdecydowano się na wybór optymalizowanych parametrów modelu poprzez odpowiednią konstrukcję genotypu. Genotyp w najbardziej ogólnej postaci składa się z dwóch części: pierwsza z nich opisuje sposób rozmywania sygnałów wejściowych, druga zawiera informacje potrzebne do odtworzenia struktury konkluzji dla poszczególnych reguł. Jeden genotyp zawiera informacje o całym modelu – tzn. o wszystkich regułach wchodzących w jego skład. Proponuje się zastosowanie genotypu niejednorodnego, opracowanego specjalnie na potrzeby niniejszej pracy. W jego skład będą wchodziły zarówno geny zapisane w postaci liczb rzeczywistych, liczb rzeczywistych z ograniczeniami, jak i liczb całkowitych. Dodatkowo, w genotypie jest również zawarta informacja o ograniczeniach i typie poszczególnych parametrów.

Na genotyp będą się więc składały 3 wektory:

$$g = [g_p, g_c], \quad g \in \mathbb{R}^n \quad (8)$$

$$lg = [lg_p, lg_c], \quad lg \in \mathbb{R}^n \quad (9)$$

$$hg = [hg_p, hg_c], \quad hg \in \mathbb{R}^n \quad (10)$$

gdzie: n_g liczba parametrów poddawanych optymalizacji, g wektor zawierający aktualną reprezentację parametrów, g_p wektor zawierający parametry rozmywania, g_c wektor zawierający parametry struktury funkcji konkluzji, lg wektor zawierający dolne ograniczenia poszczególnych parametrów, hg wektor zawierający górne ograniczenia poszczególnych parametrów. Każdy element wektora (każdy gen) jest liczbą zmiennoprzecinkową bądź całkowitą.

W zapisie ogólnym modelu jako zbioru reguł zgodnych z (1), nie ma wydzielonego zapisu sposobu rozmywania dla poszczególnych zmiennych wejściowych. Jednakże poszczególne funkcje przynależności dla jednej zmien-

nej są ze sobą silnie powiązane. Tak więc wydzielenie zapisu sposobu rozmywania poszczególnych sygnałów wejściowych pozwala na ściślejsze powiązanie ich ze sobą oraz ułatwia stworzenie odpowiednich wersji operatorów krzyżowania i mutacji. Badano dwa podejścia do optymalizacji parametrów rozmywania poszczególnych zmiennych:

1. Równoczesna optymalizacja wszystkich parametrów funkcji przynależności. W tym przypadku część genomu odpowiedzialna za rozmywanie sygnałów wejściowych ma następującą postać:

$$g_p = [l_p^{(1)}, a_{11}^{(1)}, \dots, a_{1p_p}^{(1)}, a_{21}^{(1)}, \dots, a_{r_p}^{(1)}, \dots, l_p^{(n)}, \dots, a_{r_p}^{(n)}] \quad (11)$$

gdzie: p_p liczba parametrów opisujących pojedynczą funkcję przynależności, l_p liczba przedziałów na jakie rozmywany jest dany sygnał wejściowy, n liczba wejść rozmywanych. Zapis taki pozwala na optymalizację zarówno struktury (liczby partycji rozmywania) jak i parametrów poszczególnych partycji.

2. Optymalizacja parametrów rozmywania przy założeniu zachowania możliwości lokalnej interpretacji funkcji następnika. W tym przypadku poprzez odpowiednią konstrukcję genomu starano się faworyzować w procesie optymalizacji model, w którym zwykle dla danej kombinacji wartości zmiennych rozmywanych jest tylko jedna dominująca reguła. W tym przypadku niezależnie od rodzaju funkcji przynależności optymalizowane jest położenie jej środka. Dodatkowo optymalizowany jest również wspólny dla wszystkich funkcji parametr nazwany stopniem wypełnienia:

$$u \in (0, 1) \quad (12)$$

na podstawie którego obliczane są pozostałe parametry poszczególnych funkcji przynależności w zależności od ich typu. Parametr u odpowiada stosunkowi obszaru dominacji danej funkcji przynależności do obszaru w którym sąsiednie funkcje przynależności mają zbliżoną wartość stopnia przynależności. Wektor zawierający genotyp przy założeniu optymalizacji struktury i parametrów funkcji przynależności przyjmuje następującą postać:

$$g_p = [l_p^{(1)}, u^{(1)}, c_1^{(1)}, c_2^{(1)}, \dots, c_{r_p}^{(1)}, \dots, u^{(n)}, \dots, c_{r_p}^{(n)}] \quad (13)$$

gdzie: $l_p^{(i)}$ liczba funkcji przynależności na jakie rozmywana jest i -ta zmienna, $u^{(i)}$ stopień wypełnienia dla i -tej zmiennej rozmywanej, $c_j^{(i)}$ środek j -tej funkcji przynależności dla i -tej zmiennej.

W obu wymienionych podejściach część ograniczeń nakładanych na poszczególne geny nie ma charakteru stałego (zmienia się wraz ze zmianą genotypu). Z tego powodu zostały one włączone do genotypu, jako niezbędna informacja, która zmienia się w trakcie optymalizacji i jest wykorzystywana przy konstrukcji operatorów mutacji i krzyżowania.

Podobnie jak w przypadku parametrów rozmywania, tak i zapis parametrów poszczególnych konkluzji zależy od tego, jaka zostanie przyjęta postać funkcji następnika oraz które elementy struktury mają być poddawane optymalizacji. Zakłada się, że wartości współczynników

nie są obliczane poprzez algorytm ewolucyjny lecz obliczane przy pomocy algorytmu LS w trakcie obliczania funkcji celu [6]. Z tego powodu nie są one włączone do genomu. Rozpatrywano dwa podejścia:

1. Zakłada się, że struktura następników wszystkich reguł jest identyczna i ma postać równania różnicowego równoważnego transmitancji dyskretnej. W takim przypadku optymalizacji podlegają jedynie wspólne dla każdego modelu rząd oraz opóźnienia poszczególnych sygnałów wejściowych:

$$g_c = [r, d_1, \dots, d_m] \quad (14)$$

2. Zakładając, iż funkcja następnika jest równaniem różnicowym, lecz jego struktura (rząd i opóźnienia) może być różna dla poszczególnych reguł, wektor parametrów przyjmie postać:

$$g_c = [r^{(1)}, d_1^{(1)}, \dots, d_m^{(1)}, r^{(2)}, \dots, r^{(M)}, d_1^{(M)}, \dots, d_m^{(M)}] \quad (15)$$

3.2. Zapis modelu do końcowego strojenia przez algorytm genetyczny

Po zakończonej identyfikacji struktury modelu wraz z obliczeniem współczynników konkluzji za pomocą algorytmu LS otrzymany model niekoniecznie musi być modelem optymalnym. Algorytm LS umożliwia uzyskanie optymalnych wartości współczynników modelu liniowego względem parametrów jedynie w przypadku spełnienia dość silnych założeń [4]. Ponieważ w przypadku danych procesowych założenia te są często nie spełnione, co więcej – często nie ma możliwości prostego ich sprawdzenia, wydaje się, że przydatna może być możliwość dostrojenia końcowego wszystkich parametrów modelu o znanej już strukturze. Optymalizacja wszystkich parametrów jednocześnie, przy założeniu, że funkcje rozmywające są zdefiniowane zgodnie z wcześniejszym opisem, jest możliwa jedynie przy wykorzystaniu metod bezgradientowych (ze względu na brak możliwości obliczenia analitycznego gradientu względem wszystkich parametrów modelu). W niniejszej pracy, w celu zachowania spójności, wybrano algorytm ewolucyjny jako bezgradientowy algorytm optymalizujący wartości współczynników. W przypadku końcowego strojenia zmieniają się warunki pracy tego algorytmu: genotyp przestaje mieć zmienną długość (struktura modelu została ustalona w poprzednim etapie), wektor g_p zawiera tylko wartości parametrów funkcji przynależności, natomiast g_c zawiera wartości wszystkich współczynników równania konkluzji.

3.3. Operatory genetyczne

Ponieważ część zmiennych opisujących model jest ze sobą silnie powiązana i nie można ich rozpatrywać i zmieniać w oderwaniu od siebie, nie można też zastosować klasycznych operatorów inicjacji, mutowania oraz krzyżowania. Dlatego też opracowano ich specjalizowane wersje dla zastosowania w identyfikacji modeli TSK.

Podstawowy operator inicjacji. W przypadku optymalizacji wszystkich parametrów funkcji przynależności dokonuje się losowej ich zmiany (stosując rozkład

Gaussa o odchyleniu standardowym uzależnionym od położenia) wokół wartości początkowych. Podobnie jest w przypadku optymalizacji jedynie położenia środków funkcji przynależności. Stanem początkowym parametrów jest domyślnie równomierny podział każdej zmiennej rozmywanej na partycje lub podział narzucony przez osobę dokonującą identyfikacji. Parametry liczbowe opisujące strukturę zarówno przesłanki (liczba partycji) jak i konkluzji (rząd i opóźnienia poszczególnych sygnałów) są dobierane losowo z przedziału zmienności danego parametru, dokonując wyboru zgodnie z rozkładem jednorodnym. Operator taki pozwala na zainicjowanie populacji osobnikami poprawnymi w sensie rozróżnialności poszczególnych reguł wchodzących w skład modelu, przy jednoczesnym zachowaniu zróżnicowania populacji.

Stochastyczny operator inicjacji. Założenie, że optymalny rozkład partycji funkcji przynależności jest zbliżony do rozkładu równomiernego, może okazać się błędne. Wówczas przydatna może okazać się możliwość zainicjowania wartości wszystkich parametrów wartościami losowymi o rozkładzie jednorodnym i zakresie zmienności definiowanym przez ograniczenia danego elementu. Tak więc oprócz specjalizowanego operatora inicjacji wymienionego wcześniej proponuje się stosowanie również klasycznej inicjacji losowej.

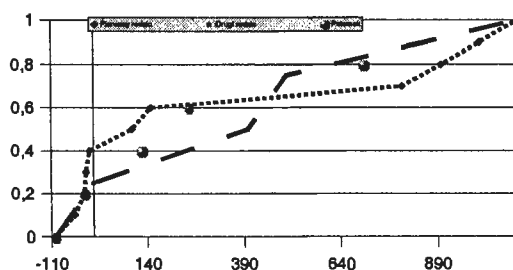
Operator inicjacji dla dostrajania. W przypadku końcowego dostrajania wszystkich parametrów modelu zakłada się, że otrzymane w trakcie wcześniejszej identyfikacji modele są zbliżone do optymalnych. Dlatego też inicjacja w pełni losowa jest niecelowa, gdyż może prowadzić jedynie do zgubienia informacji. Zamiast tego w niniejszej pracy proponuje się zastosowanie specjalnej wersji operatora inicjacji. Polega on na tym, iż populację tworzy się z najlepszego do tej pory modelu poprzez niewielkie zaburzenie wartości jego parametrów wykorzystując do tego zmienne losowe o rozkładzie Gaussa i niewielkim odchyleniu standardowym (rzędu 1 % dopuszczalnego zakresu zmian danego parametru, bądź 1-2% wartości danego parametru jeśli nie jest on ograniczony).

Krzyżowanie rozmywające. Klasyczne operatory krzyżowania opierają się na założeniu przekazania potomkowi części genomu każdego z rodziców. W tej pracy zaproponowano i przebadano inne podejście: zakłada się, iż potomek powinien mieć właściwości fizyczne ułożone pomiędzy właściwościami fizycznymi rodziców, natomiast świadomie rezygnuje z prostego ich kopiowania. W przypadku, gdy jakiś parametr jest u obojga rodziców jednakowy – obaj potomkowie będą mieli również tą samą wartość tego parametru. Jeśli jakiś parametr zmienia się u rodziców w przedziale $\langle a, b \rangle$ to każdy z potomków będzie miał losową wartość tego parametru pomiędzy a i b . Podejście takie jest proste w przypadku jednakowej długości genomów i tego samego znaczenia każdego z genów u obojga rodziców. W rozważanym algorytmie takie założenie nie zawsze jest prawdziwe. Dlatego też proponuje się następującą postać operatora krzyżowania rozmywającego: Operator będzie dokonywał krzyżowania wykorzystując informację zawartą w zdekodowanym genomie. W przypadku parametrów, których wzajemna odpo-

wiedniość jest łatwa do ustalenia (jak liczba partycji na jakie rozmywane są poszczególne zmienne, czy też rząd równania różnicowego) wartość parametru będzie dobierana losowo (za pomocą generatora liczb losowych o rozkładzie jednorodnym) z zakresu wyznaczonego przez wartość danego parametru u obojga rodziców. Osobnego rozważenia wymaga wybór parametrów poszczególnych funkcji przynależności w przypadku, gdy ich liczba jest różna u rodziców. Wtedy nie ma możliwości prostego ustalenia zakresu zmienności parametrów poszczególnych funkcji przynależności – ponieważ nie ma możliwości prostego ustalenia, która funkcja u jednego z rodziców odpowiada funkcjom drugiego. Proponuje się następujący algorytm postępowania w takim przypadku:

Założenia: liczba funkcji przynależności, na jakie rozmywana jest i -ta zmienna wejściowa jest różna u obojga rodziców i wynosi odpowiednio l_1 oraz l_2 , każdy z dwu potomków ma losowaną niezależnie nową liczbę funkcji przynależności l_3 i l_4 z zakresu $\langle l_1, l_2 \rangle$.

1. Dla każdej zmiennej rozmywanej tworzone są dwie wirtualne funkcje przynależności o środkach odpowiednio dla minimalnej i maksymalnej dopuszczalnej wartości danej zmiennej (funkcje przynależności o środkach w dolnej i górnej granicy sygnału parametryzującego). Środki poszczególnych funkcji przynależności są numerowane od 0.
2. Wykonywana jest „normalizacja” indeksów poszczególnych środków funkcji przynależności do zakresu $\langle 0; 1 \rangle$. Normalizowane indeksy funkcji przynależności oznacza się jako $mfni_i^{(j)}$, gdzie i jest numerem funkcji przynależności, j jest numerem rodzica.
3. Tworzone są dwie łamane złożone z odcinków, których wierzchołkami są kolejne punkty $(mfni_i^{(j)}, c_i^j)$, gdzie c_i^j jest środkiem i -tej funkcji przynależności j -tego rodzica. Utworzone łamane tworzą figurę zamkniętą (rys. 1).
4. Losowana jest liczba partycji dla potomka oraz wprowadzany podział osi rzędnych odpowiadający wylosowanej liczbie.



Rys. 1. Krzyżowanie rozmywające

5. Kolejne środki funkcji przynależności potomka są losowane z przedziału określonego przez odcinek powstały przez przecięcie utworzonej figury linią poziomą na wysokości odpowiadającej normalizowanemu indeksowi poszukiwanego środka.

6. Pozostałe parametry rozmywania dobierane są także losowo. Przedział losowania wyznaczają parametry funkcji przynależności najbliższych nowo wylosowanej funkcji w sensie odległości środków.

Podany sposób krzyżowania pozwala na uzyskanie wartości rozmywania (w sensie gęstości) poszczególnych zmiennych w obszarze wyznaczonym poprzez oboje rodziców. Innymi słowy – jeśli w przypadku obojga rodziców początkowy zakres zmienności sygnału rozmywanego jest podzielony na znacznie większą liczbę partycji niż zakres końcowy – to u potomków ta cecha zostanie zachowana.

Zmodyfikowane krzyżowanie punktowe. Można także dokonać wymiany części parametrów pomiędzy genomami. Przy czym, analizując strukturę genomu, można dojść do wniosku, iż możliwe są dwa podejścia:

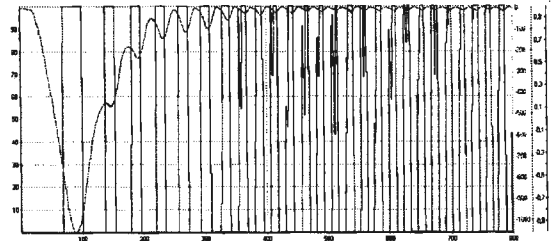
1. W przypadku, gdy liczba zmiennych rozmywanych jest większa od 1, można założyć, że w genomie będzie jeden punkt przecięcia, wymieniający pomiędzy modelami sposób rozmywania poszczególnych zmiennych. Przykładowo, jeśli rozmywane są 3 sygnały i wylosowano punkt przecięcia równy 1, to jeden z modeli potomnych będzie rozmywał pierwszy sygnał tak jak pierwszy z modeli rodziców, natomiast dwa pozostałe jak drugi. Drugi model potomny przejmie natomiast odpowiednio rozmywanie pierwszego sygnału zgodnie z drugim rodzicem, natomiast dwa pozostałe sygnały będą rozmywane jak w przypadku pierwszego rodzica. Jest to bardzo proste podejście, niemniej jednak możliwe do zastosowania jedynie w przypadku modeli o więcej niż jednej zmiennej rozmywanej.
2. Druga proponowana wersja operatora krzyżowania opiera się na założeniu wymiany części parametrów rozmywania dla każdego z sygnałów rozmywanych. Dla każdego z nich losowana jest wartość będąca punktem przecięcia z zakresu zmienności danego sygnału. Następnie partycje o środku mniejszym niż wylosowana wartość przechodzą do jednego z potomków, natomiast partycje o środku większym przechodzą do drugiego z nich.

Mutacja jednorodna. Jako podstawowy operator mutacji badano operator dokonujący losowego zaburzenia (o rozkładzie Gaussa dla parametrów zmiennoprzecinkowych i rozkładzie jednorodnym dla pozostałych parametrów) losowo wybranych parametrów. Operator ten zbliżony jest w działaniu do podstawowego operatora inicjacji, z tą różnicą, że nie są zaburzone wszystkie parametry, a jedynie wybrane z nich.

4. PRZYKŁAD ZASTOSOWANIA ALGORYTMU DO IDENTYFIKACJI SIŁOWNIKA PNEUMATYCZNEGO

Przebadane urządzenie jest liniowym siłownikiem pneumatycznym, ze sterowanym ciśnieniem w komorze napełnianej i wypływem z drugiej komory. Do sterowania przepływem powietrza wykorzystywano zawór proporcjonalny. Mierzonymi sygnałami były sygnał sterujący oraz położenie tłoczyska siłownika. Dodatkowo, na

podstawie tego położenia wyliczano poprzez różniczkowanie numeryczne wartość prędkości oraz przyspieszenie tłoka. Przeprowadzono eksperyment polegający na kilkukrotnym wykonaniu długich i krótkich skoków siłownika w obu kierunkach, dane były zapisywane z czasem próbkowania 0.001 sekundy. Przykładowy przebieg sygnałów sterowania oraz prędkości dla jednego skoku zamieszczono na rys. 2



Rys. 2. Przykładowy przebieg sygnału sterującego i prędkości.

W pracy [3,4] opisano identyfikację tego zespołu przy wykorzystaniu wiedzy a-priori o działaniu siłownika i zdefiniowaniu przez eksperta wszystkich parametrów struktury modelu. W niniejszej pracy przeprowadzona została próba identyfikacji modelu TSK siłownika ograniczając do minimum wykorzystanie wiedzy o budowie urządzenia i strukturze modelu. Poszukiwanym jest model sygnału prędkości, w zależności od sygnału sterującego. Zdecydowano się na identyfikację sygnału prędkości zamiast bezpośrednio dostępnego pomiarowo sygnału położenia w celu uniknięcia oddziaływania rzeczywistej akcji całkującej, prowadzącej do konieczności poszukiwania modelu stabilnego nieasympotycznie. Rozmywanym sygnałem był sygnał prędkości. Tworzony jest dynamiczny model obiektu o strukturze ARX (autoregresyjny z wykorzystaniem dodatkowego wejścia w postaci sygnału sterującego). Otrzymany model był weryfikowany za pomocą algorytmu MRO (Model Reference Output), przy założeniu niedostępności pomierzonych wartości sygnału prędkości z chwil poprzednich (po początkowym etapie synchronizacji model opiera się na wartościach sygnału prędkości wypracowanych przez samego siebie). Optymalizowanym wskaźnikiem jakości modelu był wskaźnik FPE:

$$e_v = \frac{\sum_{i=1}^N e[i]^2}{N-1} = \frac{\sum_{i=1}^N (y[i] - y_m[i])^2}{N-1} \quad (16)$$

$$e_{FPE} = e_v * \frac{(N + f_{FPE} * M_m)}{(N - f_{FPE} * M_m)} \quad (17)$$

gdzie: N to liczba próbek w zbiorze uczącym, f_{FPE} jest współczynnikiem kary za zbytnią rozbudowę modelu, zwyczajowo dobieranym w zakresie 1 – 6, M_m to liczba parametrów modelu. Obliczenia zostały wykonane przy pomocy pakietu MITforRD, zakładając trapezoidalną postać funkcji przynależności oraz pozwalając na swobodny dobór pozostałych parametrów struktury modelu. Dodatkowo, w celach porównawczych zamieszczono wynik identyfikacji modelu liniowego i neuroнового tego samego obiektu. Otrzymane wyniki zaprezentowano w tabeli 1.

Tabela 1. Wyniki eksperymentu

Typ modelu	Błąd dla danych uczących (% wariacji wyjścia)	Błąd dla danych testowych (% wariacji wyjścia)
Liniowy	45380 (74.29 %)	45890 (86.32 %)
Neuronowy	74540 (97.43 %)	75000 (97.44%)
TSK, równomierny podział	13470 (22.05 %)	11430 (18.56 %)
TSK, optymalizacja struktury	219.9 (0.36 %)	680 (1.18 %)

Uzyskane wyniki pokazują, że możliwe jest automatyczne uzyskanie dobrego modelu przy wykorzystaniu optymalizacji struktury. Model o porównywalnej jakości (rzędu 6 % wariacji wyjścia, [3,4]) jest w stanie uzyskać ekspert świetnie znający urządzenie po paru dniach optymalizacji parametrów struktury. W przypadku proponowanego rozwiązania uzyskano opisywany wynik w wyniku ok. 3 godzin obliczeń na komputerze PIII 2.6 GHz. Wydaje się więc sensownym zastosowanie tego mechanizmu do wyszukiwania struktury modeli TSK nawet jeśli wiedza ekspercka jest dostępna.

5. PODSUMOWANIE

W niniejszym artykule zaproponowano algorytm identyfikacji modeli TSK. W tym celu opracowano specjalizowaną wersję algorytmu genetycznego. Algorytm ten charakteryzuje się następującymi cechami:

- umożliwia identyfikację wszystkich parametrów opisujących strukturę modelu jak i wyznaczenie wartości współczynników,
- parametry struktury modelu podlegające identyfikacji mogą być wybierane – algorytm może służyć również do estymacji jedynie części z całej listy dostępnych parametrów,
- w celu estymacji współczynników równań różnicowych może być wykorzystany stabilny numerycznie algorytm LS,
- możliwe jest zastosowanie różnych postaci funkcji przynależności.
- możliwa jest identyfikacja struktury różnej funkcji następnika niezależnie dla każdej reguły wchodzącej w skład tego samego modelu,

Badania algorytmu na przykładzie siłownika pneumatycznego pokazały, że możliwe jest automatyczne uzyskanie modelu o bardzo wysokiej wierności odtwarzania sygnału badanego, nawet w przypadku braku przesłanek o właściwościach i strukturze modelowanego procesu. Do chwili obecnej wyznaczanie parametrów funkcji przynależności najczęściej wymagało wykorzystania informacji a priori opartych na doświadczeniach lub wiedzy eksperta [4]. Przykładowo model siłownika opisany w [3] i wykorzystujący wieloletnie doświadczenia zespołu badającego napędy pneumatyczne zapewniał dokładność rzędu 6 % wariacji sygnału wyjściowego, podczas gdy omawiany algorytm w czasie ok. 3 godzin dobrał model o zbliżonej liczbie współczynników i dokładności ok. 1,2 %

GENETIC OPTIMIZATION OF TSK MODEL STRUCTURE WITH EXAMPLE OF PNEUMATIC DRIVE IDENTIFICATION

Abstract: In this article the use of genetic algorithm in TSK model structure and parameters search was shown. The modification of conclusion function was proposed. Hybrid algorithm for full model TSK identification was proposed. As an example the results of identification of pneumatic drive model is also included.

Literatura

- [1] Arabas J. (2001) *Wykłady z algorytmów ewolucyjnych*. WNT, Warszawa.
- [2] Babuska R. (1998) *Fuzzy Modeling for Control*. Kluwer Academic Publishers, Boston.
- [3] Chudzik Z., Janiszowski K., Kozłowski M., Olszewski M. (1994) *Modelowanie obiektów sterowania na przykładzie opisu siłownika pneumatycznego*. PAK, Warszawa.
- [4] Janiszowski K. (2002) *Identyfikacja modeli parametrycznych*. EXIT, Warszawa.
- [5] Takagi T., Sugeno M. (1985) Fuzzy Identifications of System and Its Applications to Modeling and Control. *IEEE Trans. on System, Man and Cybernetic*.
- [6] Wnuk P. (2004) Genetic Optimization of Structure and Parameters of TSK Fuzzy Models. *Elektronika*, 8-9/2004, 1-3.
- [7] Wnuk P. (2004) *Algorytmy optymalizacji struktury modeli rozmytych, rozprawa doktorska*, Politechnika Warszawska, str. 116





**Instytut Badań Systemowych
Polskiej Akademii Nauk**

ISBN 83-89475-00-6